

os dados sobre a dose completa (100 μ g) de mRNA-1273, a avaliação da dosagem da vacina para indivíduos em risco pode ser reconsiderada, apesar do pequeno tamanho da amostra.

Palavras-chave: COVID-19 vacina ARNm-1273 SARS-CoV-2 BNT162b2

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102925>

IMUNOGENICIDADE E SEGURANÇA DA VACINA INATIVADA (CORONAVAC) COMPARADA À VACINA BNT162B2 (PFIZER) CONTRA SARS-COV-2 EM CRIANÇAS E ADOLESCENTES (PROJETO CURUMIM)

Carolina Strauss Estevez Gadelha^{a,*},
Bruno Borges Zanoni^a, Ana Paula Castello de Lima^a,
Kellen Christine Brites Gonçalves^a,
Vinícius de Pádua Sanders Medeiros^a,
Jacob Henrique da Silva Klippel^a,
Daniela Farias Moreira^a,
Maria Clara de Castro e Caetano^a, José Geraldo Mill^a,
Andréa Teixeira de Carvalho^b,
Olindo Assis Martins Filho^b, Ana Paula Burian^a,
Valéria Valim Cristo^a

^a Hospital Universitário Cassiano Antonio Moraes (HUCAM), Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Vitória, ES, Brasil;

^b Instituto René Rachou (IRR), Fundação Oswaldo Cruz (Fiocruz-Minas), Belo Horizonte, MG, Brasil

Introdução/Objetivo: A maioria dos casos pediátricos de COVID-19 é leve, porém casos graves podem ocorrer. No Brasil ocorreram mais de 300 óbitos em crianças e adolescentes, no ano de 2022, destacando a necessidade da vacinação. Este ensaio clínico avaliou imunogenicidade e segurança da vacinação de crianças e adolescentes, de 3 a 17 anos, com a vacina inativada (Coronavac) contra o SARS-Cov2 com grupo controle que recebeu a vacina BNT162b2 (Pfizer).

Métodos: Ensaio clínico de não inferioridade para avaliar imunogenicidade e segurança da vacina inativada (Coronavac/Butantan) em crianças de 3 a 17 anos, com braço randomizado, duplo-cego de comparação com imunizante BNT/Pfizer. Os participantes (5-17 anos) do braço randomizado foram divididos em dois grupos (2:1) e receberam vacina Coronavac/Butantan ou BNT162b2 (Pfizer). Todos receberam duas doses com intervalo de 28 dias. Foram coletadas amostras nos tempos: pré-vacinação, 28 dias, 3 meses, 6 meses e 12 meses após segunda dose. Para determinação quantitativa de anticorpos contra a porção Receptor Binding Domain - RBD da proteína Spike do SARS-CoV-2 foi empregado o ensaio de eletroquimioluminescência do tipo sanduíche-duplo denominado Anti-SARS-CoV-2 S da Abbott. Considerou positivo ≥ 50 AU/mL ou 7,1 BAU/mL. O tamanho da amostra considerou análise de não inferioridade, taxa de soroconversão, poder de estudo de 80%, erro alfa de 5% e perdas de 30% (160 indivíduos por grupo).

Resultados: Foram incluídas 1.125 crianças de 3 a 17 anos, sendo 460 de 5 a 17 anos no braço randomizado (293 no grupo Coronavac e 167 no grupo Pfizer). Não houve eventos adversos

moderados ou graves em nenhum grupo. A frequência geral de eventos adversos locais ou sistêmicos foi menor no grupo Coronavac em comparação à Pfizer. Os eventos sistêmicos foram mais comuns em crianças de 3-4 anos. A soroconversão foi 100% em todos os grupos, com títulos médios geométricos significativamente maiores após a vacinação. Coronavac foi não inferior a BNT/Pfizer para induzir soroconversão de anticorpos (anti-RBD IgG-S) mas a BNT/Pfizer induz títulos maiores de IgG-S comparado com Coronavac, na faixa etária de 5-17 anos.

Conclusão: A Coronavac foi menos reatogênica e não inferior à BNT/Pfizer na indução de soroconversão de anticorpos anti-RBD IgG-S. Ambas as vacinas foram seguras, sem eventos adversos graves ou moderados. Estudo registrado no ClinicalTrials.gov NCT05225285.

Palavras-chave: COVID-19 Vacina Criança Adolescentes

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102926>

INCIDÊNCIA DE INFECÇÕES POR CLOSTRIDIÓIDES DIFFICILE EM PACIENTES INTERNADOS EM UNIDADES DE TERAPIA INTENSIVA PRÉ E DURANTE A PANDEMIA DE COVID-19

Renata Pires de Arruda Faggion^{a,*},
Mariana do Prado Cavenaghi^a, Jenifer Ogushi^a,
Luana Andressa de Lima Serafim^a, Marsilene Pelisson^b,
Joseani Coelho Pascual^b, Renata Aparecida Belei^b,
Cláudia Maria Dantas de Maio Carrilho^b,
Jaqueline Dario Capobiango^b, Vitor Hugo Perugini^b,
Pedro Luiz Belei Garcia^c, Cibelly da Silva Bono Rocha^b

^a Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, PR, Brasil;

^b Hospital Universitário, Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina, PR, Brasil;

^c Universidade Positivo, Curitiba, PR, Brasil

Introdução/Objetivo: Clostridioides difficile é um bacilo gram-positivo formador de esporos e produtor de toxinas causadoras da colite pseudomembranosa, acarretando um quadro diarreico grave. Os fatores de risco para infecção por este patógeno são idade avançada, hospitalização e, principalmente, exposição prévia a antibióticos, sendo as cefalosporinas de segunda e terceira geração, quinolonas e clindamicina os antibióticos mais frequentemente relacionados. Na pandemia de COVID-19, o uso de antimicrobianos nos serviços de saúde aumentou substancialmente devido às internações prolongadas e consequentes infecções relacionadas à assistência à saúde. O objetivo deste trabalho foi avaliar o impacto da pandemia na incidência das infecções por C. difficile em unidades de terapia intensiva (UTI) de um Hospital Universitário, que foi referência para COVID-19.

Métodos: estudo longitudinal retrospectivo, realizado nas UTIs de adultos e que avaliou a densidade de incidência de infecção por C. difficile, entre os períodos de junho de 2018 a dezembro de 2019 (pré-pandemia) e junho de 2020 a dezembro de 2021 (pandemia). Os dados foram fornecidos pelo laboratório de microbiologia e setor de estatística. O diagnóstico foi realizado por meio da detecção de Toxinas A e B de C.

difficile, pelo método de quimioluminescência, em amostras de fezes. O trabalho foi aprovado pelo Comitê de Ética e Pesquisa.

Resultados: no período pré-pandemia foram realizados 108 testes, com 5 (4,6%) positivos, com densidade de incidência de 156,5 testes por 1.000 pacientes-dia. No período de pandemia foram realizados 607 testes, sendo 42 (6,9%) positivos e densidade de incidência de 288,3 testes por 1.000 pacientes-dia. Embora o número de pacientes internados nas UTT's tenha triplicado na pandemia, a densidade de incidência de solicitações de toxinas A e B para C. difficile aumentou em quase duas vezes no período de pandemia, reflexo do uso aumentado de antimicrobianos, que ocorreu no período pandêmico nesse hospital.

Conclusão: este estudo evidenciou o impacto da pandemia no aumento de infecções por *C. difficile* e a necessidade de políticas para o uso racional de antimicrobianos como medida preventiva para colite pseudomembranosa.

Palavras-chave: Clostridioides difficile Antimicrobianos Unidades de Terapia Intensiva COVID-19

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102927>

INTERPOLAÇÃO POLINOMIAL: UMA FERRAMENTA DE BAIXA COMPLEXIDADE PARA ANALISAR A ACELERAÇÃO DE CURVAS EPIDÊMICAS

Matheus Gomes Reis Costa*, Lívia Almeida da Cruz, Davi Félix Martins Junior, Airandes de Sousa Pinto

Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), Feira de Santa, BA, Brasil

Introdução/Objetivo: Os modelos matemáticos proporcionaram aplicações de medidas para epidemia em momentos determinados tornando-as mais eficazes. Com isso, o intuito desse estudo é apresentar uma ferramenta alternativa para analisar a aceleração das curvas epidêmicas.

Metodologia: A curva epidêmica pode ser obtida para casos novos através de modelagem matemática utilizando o método de interpolação polinomial. Os gráficos de casos ao longo da série foram obtidos pelo software Matlab (Math-Works, Matlab R2008a, Natick, Massachusetts, EUA). Posteriormente, o polinômio foi automaticamente gerado com o grau e coeficientes que permitiu o melhor ajuste possível aos dados de casos diários, sendo que o grau máximo foi limitado a 8. A aceleração instantânea foi obtida pela primeira derivada do polinômio, sendo identificado o ponto de aceleração máxima na fase ascendente da curva. Na fase descendente da curva epidemiológica, foi considerado o valor absoluto da aceleração negativa, chamada de desaceleração. Para demonstração da ferramenta utilizou-se os dados dos casos novos por COVID-19 do Brasil e Alemanha, os quais foram coletados por meio do site <http://www.worldometer.com/coronavirus> de 15 de fevereiro a 18 de maio de 2020 (dia 1 a 94). Por se tratar de um banco de dados secundários, não foi necessário submeter o projeto ao Comitê de Ética em Pesquisa.

Resultados: A fase de aceleração dos casos novos não é constante, a aceleração do COVID-19 atinge um valor máximo e depois diminui para zero, ponto em que a curva atinge o

pico. Assim, observamos uma primeira fase em que ocorre aumento concomitante de números de casos e aceleração, e uma segunda fase, em que novos casos continuam a aumentar; no entanto, ocorre uma diminuição na aceleração e chega a zero no pico de novos casos. Na fase de desaceleração, a aceleração passa a apresentar sinal negativo, indicando uma mudança na direção dos dados; após o pico, os números começam a diminuir. A fase de desaceleração também não é uniforme; a primeira fase apresenta uma diminuição dos números que está associada a uma aceleração cada vez mais negativa, e uma segunda fase em que os casos novos continuam a diminuir e a aceleração volta a zero. A segunda fase indica o fim da epidemia.

Conclusão: A interpolação polinomial é capaz de calcular a aceleração das curvas epidemiológicas, nesse sentido conhecendo o estágio da epidemia e auxiliando nas medidas de combate.

Palavras-chave: Modelagem Matemática SARS-CoV-2 Epidemiologia

<https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102928>

MODULAÇÃO TRANSCRICIONAL DE GENES ASSOCIADOS AO SISTEMA ANTIOXIDANTE EM PACIENTES COM COVID-19: IMPACTO POTENCIAL NO SISTEMA NERVOSO CENTRAL

Bruna Candia Piccoli*, Luiza Funck Tessele, Alexandre Vargas Schwarzbald, Priscila de Arruda Trindade

Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil

Introdução: O SARS-CoV-2 é capaz de infectar as células do sistema nervoso central (SNC), promovendo estresse oxidativo e inflamação. Múltiplas manifestações neurológicas como cefaléia, confusão mental, fadiga, anosmia e ageusia tem sido descritas. O mecanismo pelo qual o SARS-CoV-2 causa estas manifestações, ainda não está estabelecido. Neste sentido, o transcriptoma de indivíduos com COVID-19 pode indicar modulação transcricional que, no futuro, pode ser utilizada como biomarcador de alterações clínicas.

Objetivos: Investigar a modulação transcricional de genes associados ao sistema antioxidante endógeno (KEGG N00243) no córtex pré-frontal de pacientes com COVID-19.

Métodos: Utilizamos dois bioprojetos (PRJNA755712 e PRJNA755713), disponíveis no NCBI, de autópsias de córtex pré-frontal de indivíduos infectados e não infectados, totalizando 10 transcriptomas. Após, foram baixadas as sequências de mRNA e as sequências codificadoras foram utilizadas para o mapeamento das leituras dos transcriptomas. O mapeamento e a análise de expressão diferencial foram realizados no CLC Genomics Workbench 23.0.4. Foram considerados diferencialmente expressos, os genes que apresentaram $p < 0,05$.

Resultados e discussão: A infecção pelo SARS-CoV-2 induziu um aumento na transcrição da Gpx4 (FC = 7,71) e da Nqo1 (FC = 5,83) indicando uma adaptação do organismo no combate ao estresse oxidativo. Em contrapartida, houve uma diminuição na transcrição da Gsta4 (FC = -19,33), Gstm2